

FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
version 3.3t05 March 30, 2000

Please cite:

W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAApOaqDq: 747 nt
>LEX 121 SEQ ID NO_01
vs /tmp/fastaDAAqOaqDq library
searching /tmp/fastaDAAqOaqDq library

992 residues in 1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, +5/-4 matrix (5:-4)] ktup: 6
join: 54, opt: 39, gap-pen: -16/ -4, width: 16
Scan time: 0.017

The best scores are: opt

gi|22059998|ref|XM_084868.5| Homo sapiens simi (992) [f] 3714
gi|22059998|ref|XM_084868.5| Homo sapiens simi (992) [r] 106

>>gi|22059998|ref|XM_084868.5| Homo sapiens similar to C (992 nt)
initn: 3415 initl: 3415 opt: 3714
99.866% identity in 747 nt overlap (1-747:78-823)

```

                                10      20      30
LEX                          ATGTTAAGAAATAACAAAACAATAATTATT
                                :
gi|220. CAGAATCATCAATATCTTGAAGAAAAAGAATGTTAAGAAATAACAAAACAATAATTATT
      50      60      70      80      90     100

                                40      50      60      70      80      90
LEX      AAGTACTTTCTTAATCTCATTAAATGGAGCTTTCTTGGTTCTTGGACTTTTATTCATGGGA
      :
gi|220. AAGTACTTTCTTAATCTCATTAAATGGAGCTTTC-TGGTTCTTGGACTTTTATTCATGGGA
    110     120     130     140     150     160

                                100     110     120     130     140     150
LEX      TTTGGTGCATGGCTCTTATTAGATAGAAATAATTTTTTAACAGCTTTTGATGAAAATAAT
      :
gi|220. TTTGGTGCATGGCTCTTATTAGATAGAAATAATTTTTTAACAGCTTTTGATGAAAATAAT
    170     180     190     200     210     220

                                160     170     180     190     200     210
LEX      CACTTCATAGTACCTATTTCTCAAATTTTGATTGGAATGGGATCTTCTACTGTTCTTTTT
      :
gi|220. CACTTCATAGTACCTATTTCTCAAATTTTGATTGGAATGGGATCTTCTACTGTTCTTTTT
    230     240     250     260     270     280

                                220     230     240     250     260     270
LEX      TGTCTATTGGGTTATATAGGAATTCACAACGAAATCAGATGGCTCCTAATTGTGTATGCA
      :
gi|220. TGTCTATTGGGTTATATAGGAATTCACAACGAAATCAGATGGCTCCTAATTGTGTATGCA
    290     300     310     320     330     340

                                280     290     300     310     320     330
LEX      GTATTGATAACATGGACCTTTGCTGTTTCAGGTTGTACTTTTCAGCATTTCATCATCACAAG
      :
gi|220. GTATTGATAACATGGACCTTTGCTGTTTCAGGTTGTACTTTTCAGCATTTCATCATCACAAG
    350     360     370     380     390     400

                                340     350     360     370     380     390
```

```
LEX    AAAGAGGAGGTTTCAGCAACTATGGCATGACAAAATTGATTTTGTTCATTTCTGAGTATGGA
      .....
gi|220 AAAGAGGAGGTTTCAGCAACTATGGCATGACAAAATTGATTTTGTTCATTTCTGAGTATGGA
      410      420      430      440      450      460

      400      410      420      430      440      450
LEX    TCTAAAGATAAGCCTGAAGATATAACCAAGTGGACTATTCTGAATGCCTTACAGAAAACA
      .....
gi|220 TCTAAAGATAAGCCTGAAGATATAACCAAGTGGACTATTCTGAATGCCTTACAGAAAACA
      470      480      490      500      510      520

      460      470      480      490      500      510
LEX    TTACAGTGTTGTGGCCAACATAATTACACAGACTGGATAAAGAATAAGAACAAAGAAAAT
      .....
gi|220 TTACAGTGTTGTGGCCAACATAATTACACAGACTGGATAAAGAATAAGAACAAAGAAAAT
      530      540      550      560      570      580

      520      530      540      550      560      570
LEX    TCAGGACAGGTGCCATGTTCTTGCACAAAGTCAACTTTAAGAAAATGGTTTTGTGATGAG
      .....
gi|220 TCAGGACAGGTGCCATGTTCTTGCACAAAGTCAACTTTAAGAAAATGGTTTTGTGATGAG
      590      600      610      620      630      640

      580      590      600      610      620      630
LEX    CCACTGAATGCAACTTACCTTGAGGGTTGTGAAAATAAAATCAGTGCATGGTATAATGTT
      .....
gi|220 CCACTGAATGCAACTTACCTTGAGGGTTGTGAAAATAAAATCAGTGCATGGTATAATGTT
      650      660      670      680      690      700

      640      650      660      670      680      690
LEX    AATGTGTTAACCTTAATCGGAATTAACCTTTGGACTTTTAACCTCAGAGGTTTTCCAAGTC
      .....
gi|220 AATGTGTTAACCTTAATCGGAATTAACCTTTGGACTTTTAACCTCAGAGGTTTTCCAAGTC
      710      720      730      740      750      760

      700      710      720      730      740
LEX    TCATTAACAGTTTGTCTTCAAAAACATCAAGAATATAATCCATGCAGAAATGTGA
      .....
gi|220 TCATTAACAGTTTGTCTTCAAAAACATCAAGAATATAATCCATGCAGAAATGTGACCT
      770      780      790      800      810      820

gi|220 TTGGATTTCAATTTGTTTCAGAAGAAACCAGTTAATTCTTAAAAAATCACATTATATTATT
      830      840      850      860      870      880
```